

DOI:10.19853/j.zgjsps.1000-4602.2022.17.014

广州中心城区污水厂聚磷菌丰度差异及影响因素

孙伟¹, 唐霞¹, 吴学伟¹, 李碧清¹, 邱光磊², 林学然¹,
李江鹏¹

(1. 广州市净水有限公司, 广东 广州 510163; 2. 华南理工大学 环境与能源学院, 广东 广州 510006)

摘要: 为研究华南地区采用传统厌氧/缺氧/好氧(AAO)工艺和膜生物反应器(MBR)工艺(典型工艺为厌氧/缺氧/好氧/缺氧/膜池)的城市污水净化厂的生物除磷效能差异及其关键影响因素,采用16S rRNA基因扩增子测序技术对13座污水净化厂的24条生产线中聚磷菌 *Candidatus Accumulibacter* 及 *Tetrasphaera* 的相对丰度进行检测。结果表明,采用AAO和MBR工艺的污水厂中两种聚磷菌的丰度差异显著,AAO工艺中 *Candidatus Accumulibacter* 的平均相对丰度为MBR工艺的3倍;采用MBR工艺的污水厂中均未检测到 *Tetrasphaera*。对水质参数、运行条件、除磷效能、工艺模式及聚磷菌菌群结构进行典型对应分析(CCA),结果显示,除进水碳磷比、厌氧池水力停留时间外,硝化液回流模式是导致聚磷菌丰度差异的重要因素。

关键词: 厌氧/缺氧/好氧(AAO)工艺; 膜生物反应器(MBR); 聚磷菌丰度; 16S rRNA基因扩增子测序; *Candidatus Accumulibacter*; *Tetrasphaera*

中图分类号: TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2022)17-0081-07

Abundance Difference of Phosphate Accumulating Organisms in Wastewater Treatment Plants in Central Area of Guangzhou and Its Influencing Factors

SUN Wei¹, TANG Xia¹, WU Xue-wei¹, LI Bi-qing¹, QIU Guang-lei²,
LIN Xue-ran¹, LI Jiang-peng¹

(1. Guangzhou Sewage Purification Co. Ltd., Guangzhou 510163, China; 2. School of Environment and Energy, South China University of Technology, Guangzhou 510006, China)

Abstract: To investigate the difference in biological phosphorus removal efficiency and key influencing factors of wastewater treatment plants (WWTPs) using traditional anaerobic/anoxic/oxic (AAO) process and membrane bioreactor (MBR) process (typical process is anaerobic/anoxic/oxic/anoxic/membrane tank) in South China, the relative abundance of phosphate accumulating organisms (PAOs) *Candidatus Accumulibacter* and *Tetrasphaera* in activated sludge samples from 24 process lines of 13 WWTPs was detected by 16S rRNA gene amplicon sequencing technology. There was a significant difference in abundance of the two kinds of PAOs in the WWTPs using AAO and MBR processes, and the average relative abundance of *Candidatus Accumulibacter* in AAO process was 3 times of that in MBR process. *Tetrasphaera* was not detected in the WWTPs using MBR process. Canonical correlation analysis was performed to correlate the wastewater quality parameters, operational conditions, phosphorus removal

基金项目: 广东省重点领域研究计划项目(2019B110209002)

performance, process configuration and microbial community of PAOs. In addition to the influent carbon to phosphorus ratio and the hydraulic retention time of anaerobic tank, the reflux mode of nitrification liquid was an important factor leading to the abundance difference of PAOs.

Key words: anaerobic/anoxic/oxic (AAO) process; membrane bioreactor (MBR); abundance of PAOs; 16S rRNA gene amplicon sequencing; *Candidatus Accumulibacter*; *Tetrasphaera*

华南地区大中型城市污水净化厂多采用改良厌氧/缺氧/好氧(AAO)工艺与膜生物反应器(MBR)工艺(典型工艺布置为厌氧/缺氧/好氧/缺氧/膜池,即AAOAMBR)。两种工艺的生物除磷原理并无区别,均为利用生化池污泥中的聚磷菌(PAOs)于厌氧环境释磷、好氧环境吸磷,再通过排泥实现生物除磷。但是,污水厂在运营过程中发现两种工艺的除磷效果存在明显差异,AAOAMBR工艺的化学除磷药剂(以聚合氯化铝为主)使用量较大。

污水厂的除磷药剂使用量与生化池中除磷菌的组成及丰度密切相关。不同地区不同污水厂的聚磷菌组成及丰度存在差别,对污水厂的药耗及整体运行成本产生重要影响。因此,污水厂中聚磷菌的组成及丰度是生物除磷效果的重要指示参数,运行管理人员可以此为参考,对运行条件进行优化。

16S rRNA 基因扩增子测序技术是近年应用于污水厂活性污泥中聚磷菌群研究的新技术。目前,通过分子生物技术发现广泛存在于污水厂活性污泥中的优势聚磷菌有 *Candidatus Accumulibacter*、*Tetrasphaera* 等^[1]。*Candidatus Accumulibacter* 和 *Tetrasphaera* 两种聚磷菌的除磷机理略有区别^[2],*Candidatus Accumulibacter* 在除磷过程中以挥发性脂肪酸(VFAs)作为优先碳源,并涉及聚羟基脂肪酸酯(PHA)的转化,而 *Tetrasphaera* 则倾向于利用糖类、氨基酸等作为碳源。以这两种除磷机理已明确的菌种作为指示物,能较好地揭示污水厂生产线的生物除磷能力。

现阶段对华南地区大中型污水厂的聚磷菌优势菌属研究较少,相关研究亦未关注污水厂工艺处理效能差异与聚磷菌群结构及丰度的关联性。鉴于此,笔者利用16S rRNA 基因扩增子测序技术对华南地区13座污水厂的24条生产线中聚磷菌进行了系统检测,解析不同工艺生物除磷效能差异的微生物学原因,并为污水厂提质增效提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 样品的采集

活性污泥样品取自华南地区某市13座污水厂的24条生产线,见表1。在每一生产线的各工艺单元(包括厌氧、缺氧、好氧、二沉池/膜池等)均设置采样点,共采集了88个污泥样品。由于活性污泥在处理工艺内不断回流,污泥分布相对均匀,一条生产线内不同工艺单元的样品视为同一组样品(每条生产线至少取3个平行样品,以保证菌群分析的准确性),生产线各工艺单元中某聚磷菌的相对丰度均值视为该生产线中该聚磷菌的相对丰度值。

表1 各污水厂的处理工艺及生产线

Tab.1 Treatment process and lines of each WWTP

工艺模式	污水厂生产线
AAO	A、B1、B2、C1、E、F1、G1、G2、H1、H2、J1、L1、L2、M1、M2
AAOAO	B3、J2
倒置AAO(rAAO)	G3
AAOAMBR	C2、D、F2、K、M3
AAOMBR	I
注: 字母代表污水厂,数字代表生产线。	

1.2 污泥样品的检测与分析

将采集的活性污泥样品进行16S rRNA 基因扩增子测序分析。PCR 扩增时,采用细菌通用引物515F/907R 扩增16S rRNA 基因的V4-V5 可变区,引物序列为:前置引物515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和后置引物907R(5'-CCGTCAATTC-MTTTTRAGTTT-3')。

使用Qubit 4.0 对文库浓度进行定量,使用Qsep 400 检测DNA 文库片段的完整性及插入片段长度。插入片段长度符合预期后进行上机测序。文库检测合格后,按照有效浓度及目标下机数据量的需求将不同文库混合至流动样品池,cBOT成簇后使用Illumina NovaSeq 6000 的PE250 模式进行测序。

使用开源的微生物生态学定量分析软件(QIIME2)

分析高质量的16S rRNA基因扩增子序列,并使用QIIME2系统中的DATA2序列读数进行降噪,降噪后的序列以100%的相似性归为一类ASV,最后使用SILVA 132对ASV序列进行系统分类学分类分析。为了评估微生物群落的 α 多样性和结构组成,将获得的扩增子序列数进行等量抽平处理,以样品中最低的序列数为基准对所有样品随机选取相同数目的序列。本项目中测序数据抽平后的序列数为46 506条。通过PICRUST2进行功能预测,并从公开数据库(Functional Gene Pipeline, <http://fungene.cme.msu.edu/index.spr>)上下载参与聚磷(PPK)基因的微生物序列 5.7×10^4 条,筛选属水平的微生物信息表,并对获取的属水平微生物进行筛分,获得聚磷功能优势菌群的相对丰度。

1.3 结果的统计分析与可视化

16S rRNA基因扩增子测序结果的可视化采用R version 3.3.33 (www.r-project.org)。为考察进水水质、工艺模式及运行参数对聚磷菌群的影响,进行基于非线性模型的典型对应分析(CCA),CCA利用R语言的“vegan” version 2.5-6程序包完成(<https://cran.r-project.org/web/packages/pheatmap>),并利用“anova.cca”对CCA结果进行显著性检验。

2 结果与讨论

2.1 聚磷菌群结构

采用16S rRNA基因高通量测序对各污水厂生产线的活性污泥进行聚磷菌群结构分析,结果显示,*Candidatus Accumulibacter*是本研究所涉及的华南地区污水厂中的主流聚磷菌,广泛存在于各工艺生产线中(见图1),其平均相对丰度为0.54%,该检

测结果与王亚超等^[3]的研究结果相近。*Candidatus Accumulibacter*的相对丰度整体显著高于聚糖菌*Candidatus Competibacter*,说明各污水厂均具有适宜聚磷菌增殖的良好环境。另外,本研究在部分污水厂中检测到了*Tetrasphaera*(见图1)。*Tetrasphaera*作为城市污水处理系统中发挥实际作用的聚磷菌,目前已经得到了国内外研究者的广泛认可^[4]。与*Candidatus Accumulibacter*不同,很多进化枝的*Tetrasphaera*不能有效摄取或利用乙酸、丙酸等小分子有机酸,其更偏爱以糖类和氨基酸作为碳源,且具有发酵糖类产酸的能力。*Tetrasphaera*在全球污水厂,特别是欧洲低温地区如丹麦等的污水厂中广泛存在^[5]。在本研究涉及的年平均气温较高的华南地区,*Tetrasphaera*(最高丰度为0.22%)并非优势聚磷菌,其丰度远低于*Candidatus Accumulibacter*,且在很多生产线中并未检测到该聚磷菌的存在,这与Qiu等^[2]对同处炎热地区的新加坡污水厂的研究结果一致。*Microthrix*是在日本污水处理系统中首先得到分离纯化的聚磷菌^[6],其作为聚磷菌的属性也已经得到了确凿的试验验证,该聚磷菌与*Tetrasphaera*具有相似的代谢特征,以糖类和氨基酸等为碳源,而且可以进行发酵代谢,主流观点认为该聚磷菌与*Tetrasphaera*占据了相似的生态位^[2,7],其在本研究所涉及的污水处理系统中相对丰度普遍较低(0.005%以下)。对于其他潜在聚磷菌(如:*Tetrasphaera*、*Holomonas*以及*Thiothrix*)^[2],一方面,其在本研究所涉及的污水处理系统中整体相对丰度不高,另一方面,它们在实际污水处理系统中的作用还有待于进一步确认,在此不做详细讨论。

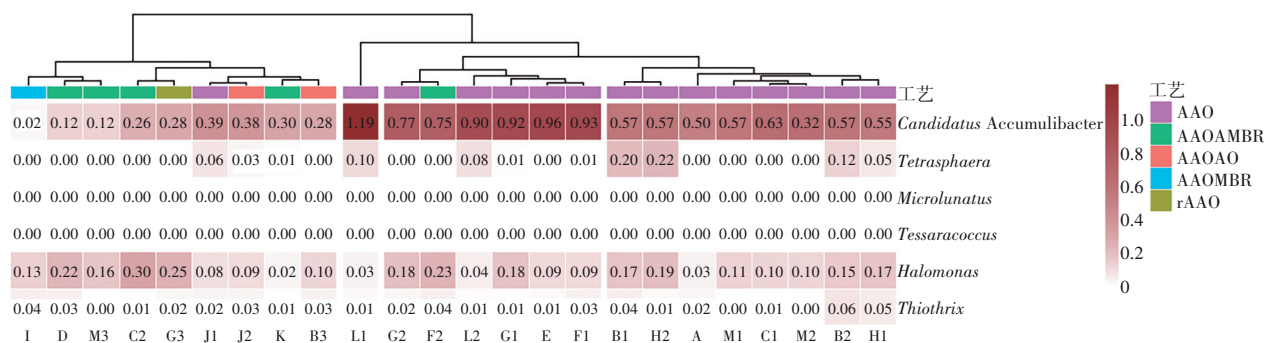


图1 各污水厂活性污泥中的聚磷菌群结构特征(属水平)

Fig.1 PAOs community compositions in activated sludge of each WWTP (at genus level)

2.2 不同工艺之间聚磷菌丰度的对比

从聚磷菌群聚类分析结果(见图1)可以看出,

各污水厂的聚磷菌群既存在相似性也存在差异。不同污水厂以及同一污水厂的不同生产线之间均

存在显著的聚磷菌群差异,暗示了工艺参数在聚磷菌群塑造方面的关键作用。此外,根据聚磷菌的组成,处理工艺大体分为两类:以AAO工艺为主的一类,以及以AAOAMBR、AAOMBR、倒置AAO和AAOAO工艺为主的一类,采用AAO工艺的污水厂中聚磷菌丰度整体高于采用其他工艺的污水厂。

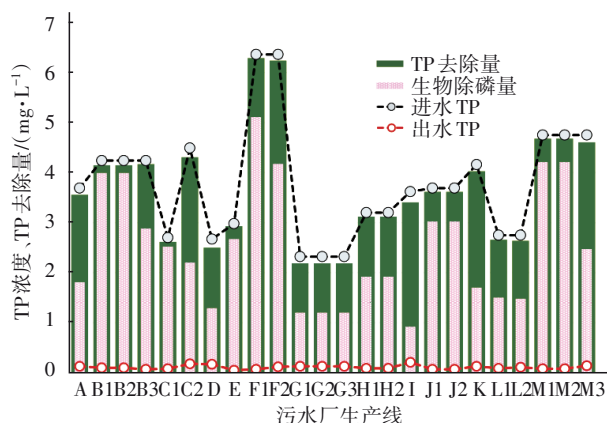
Candidatus Accumulibacter 的相对丰度在AAO工艺与AAOAMBR或AAOMBR工艺间的差异明显,采用MBR工艺(AAOAMBR或AAOMBR)的生产线中,*Candidatus Accumulibacter* 的平均相对丰度为0.26%,远低于AAO工艺生产线中的平均相对丰度(0.71%)。*Tetrasphaera* 在两种工艺间也有明显差异,AAO工艺中大多能检测出*Tetrasphaera* (检出率为76.47%),但采用MBR工艺的生产线中均未检出*Tetrasphaera*。*Tetrasphaera* 对厌氧环境要求较高^[8],常存活于氧化还原电位(ORP)低于-200 mV的环境中,MBR工艺的膜池中普遍采用高曝气以控制膜污染,导致回流污泥与混合液中具有较高的DO浓度,此外,MBR工艺生产线回流混合液中常含有大量的硝酸盐氮,这进一步破坏了厌氧池的绝对厌氧环境,对*Tetrasphaera* 的增殖不利。

值得注意的是,即使在采用相同进水的AAO工艺生产线与AAOAMBR工艺生产线,两种聚磷菌的相对丰度也存在显著差异。例如:C1和C2生产线进水水质相同,但C1的*Candidatus Accumulibacter* 平均相对丰度为0.63%,是C2(0.26%)的2.47倍。同样的现象也出现于M污水处理厂的生产线M1、M2和M3中,在采用AAOAMBR工艺的M3生产线中*Candidatus Accumulibacter* 的平均相对丰度仅为M1的21.21%以及M2的19.41%。综上可知,进水水质并不是造成不同工艺之间聚磷菌群结构差异的主要因素。

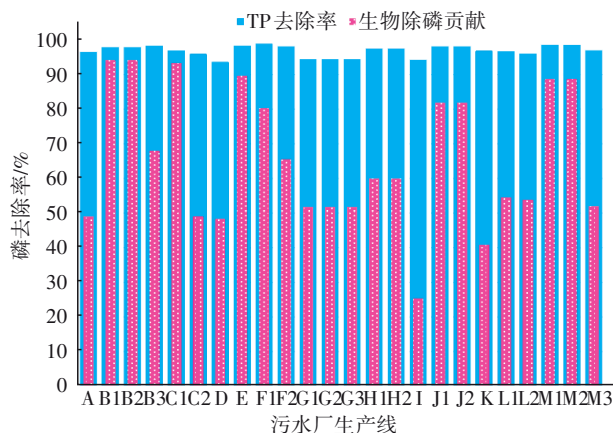
2.3 各污水厂的工艺构造及除磷效能

为系统考察工艺类型、进水水质以及工艺参数对聚磷菌群的影响,对本研究所涉及污水处理系统的除磷效能、工艺参数、进水水质特征进行了系统的统计分析(聚磷菌世代周期短,在满足其增殖所需的污泥龄条件下,污泥龄并非其菌群增殖的限制性因素,各污水厂生产线的污泥龄在10~20 d范围内,满足聚磷菌增殖所需,为有效筛除非关键影响因素,本研究不将污泥龄纳入影响因素考虑),结果如图2所示。各污水厂因所服务区域不同,进水TP

浓度存在一定差异(2.32~6.36 mg/L),在生物除磷与化学除磷(在好氧池末端投加以聚合氯化铝为代表的除磷剂)的协同作用下,各生产线出水TP浓度(0.07~0.18 mg/L)均可以达到国家一级A排放标准。通过各系统除磷药剂的投加量可核算出生物除磷量以及生物除磷对TP去除的贡献率。在本研究中,各污水厂的生物除磷量在0.92~5.11 mg/L之间,其中I污水厂最低,该污水厂的生物除磷对TP去除的贡献率亦最低,仅为25%,这与该污水厂中聚磷菌相对丰度最低(*Candidatus Accumulibacter* 仅为0.02%、*Tetrasphaera* 未检出)相对应。通过对各污水厂生产线聚磷菌丰度与生物除磷量的相关性分析发现,生物除磷量与*Candidatus Accumulibacter* 和*Tetrasphaera* 的相对丰度之和呈显著的正相关关系(见图3),这也显示了*Candidatus Accumulibacter* 和*Tetrasphaera* 在本研究所涉及污水处理系统中的关键作用。B污水厂中采用AAO工艺的B1和B2生产线的生物除磷对TP去除的贡献率最高,达到了94%,而同一污水厂采用AAOAO工艺的B3生产线中生物除磷的贡献率较B1、B2要低,仅为68%。



a. TP去除量和生物除磷量



b. TP去除率与生物除磷贡献

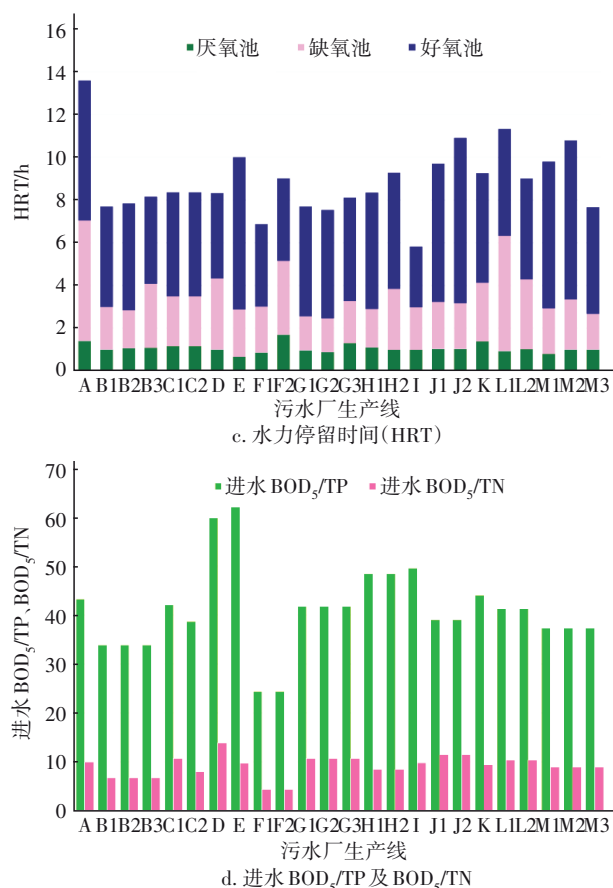


图2 各污水厂生产线的除磷效能、工艺参数和进水水质特征

Fig.2 Phosphorus removal efficiency, process parameters and influent quality characteristics of treatment lines in each WWTP

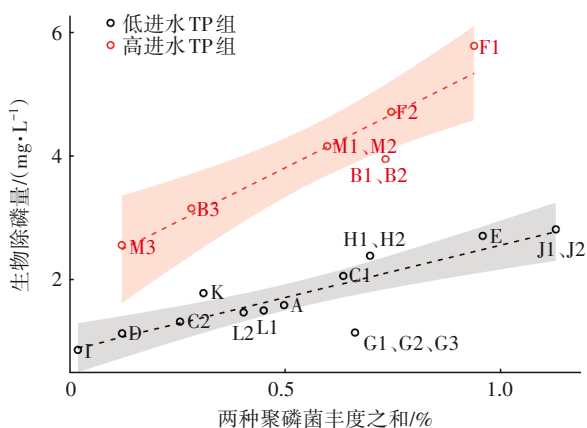


图3 生物除磷量与聚磷菌丰度之间的相关性

Fig.3 Correlation between biological phosphorus removal and relative abundance of PAOs

工艺参数与进水水质方面,I污水厂生化处理单元的HRT最低,仅为5.83 h,其极低的HRT也是生物除磷效能低的重要因素之一;A污水厂的HRT

最高,达到了13.6 h,但其生物除磷对TP去除的贡献率也仅为49%;反观B污水厂的B1和B2生产线,HRT分别为7.7 h和7.8 h,但其生物除磷效能反而最高,由此说明,HRT过长或过短均可能会对生物除磷作用的正常发挥产生不利影响。

此外,生物除磷功能的良好实现需要足够的碳源作为支撑,本研究所涉及的污水厂总体进水碳源浓度偏低(COD最低为97 mg/L),虽然绝大多数污水厂的进水BOD₅/TP达到了20,表面上满足了生物除磷的碳源需求,但TN的去除同样需要碳源作为支撑,最低的进水BOD₅/TP和BOD₅/TN值出现在F污水厂(F1和F2),仅为24.4和4.39,进水碳源无法同时满足TP和TN的去除需求,因此,导致该污水厂生物除磷对TP去除的贡献率仅为66%~80%。

2.4 生物除磷效能的影响因素分析

为系统表征工艺模式、运行条件和进水水质对聚磷菌群及其生物除磷效能的影响,进行了典型对应分析(CCA),结果如图4所示(显著性检验结果为 $p=0.000$)。

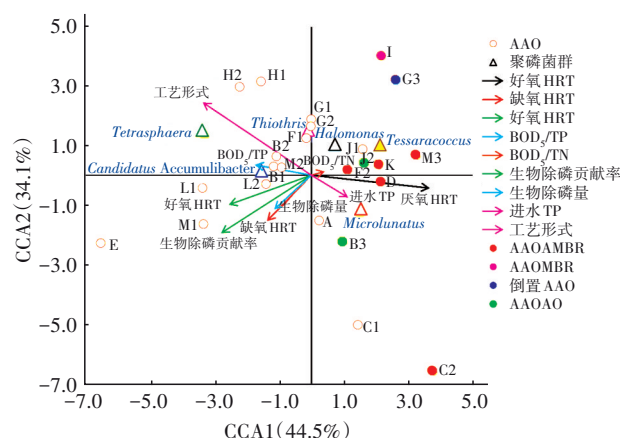


图4 工艺模式、运行条件及进水水质对聚磷菌群及其生物除磷效能影响的CCA分析结果

Fig.4 CCA results of the influence of process configuration, operation condition and influent quality on PAOs community and biological phosphorus removal efficiency

由图4可以看出,好氧段与缺氧段的HRT均与生物除磷量及其对TP去除的贡献率呈正相关关系,说明在本研究的好氧HRT(2.85~7.13 h)和缺氧HRT(1.67~5.63 h)范围内,适当延长HRT对生物除磷有利,同时也暗示了系统中反硝化除磷作用的存在,Candidatus Accumulibacter中存在携带呼吸型硝

酸盐还原酶的种类^[9],可支持反硝化除磷作用。本研究涉及的污水厂中反硝化除磷的活性有待后续试验验证。此外,厌氧段HRT与生物除磷效能呈现出明显的负相关关系,说明在本研究的厌氧HRT范围内(0.66~1.71 h),延长HRT对生物除磷过程不利,可能的原因是,作为优势聚磷菌的*Candidatus Accumulibacter*,其碳源摄取速率较高[可达到4.0 mmol/(h·gVSS)],可在短时间内高效摄取碳源^[10],不需要长的厌氧HRT来保证其有效的碳源摄取,并且过长的厌氧HRT反而会导致其在厌氧段过量的胞内碳源及能量(ATP)消耗用以维持其基础代谢,对生物除磷不利^[10]。过长的厌氧HRT对生物除磷的影响在高温条件下尤为显著^[11],因此,在温度较高的华南地区,适当缩短厌氧HRT可能更有利于生物除磷作用的提高。

进水BOD₅/TP与生物除磷效能,特别是与聚磷菌*Candidatus Accumulibacter*和*Tetrasphaera*的丰度整体呈正相关关系,显示了足够的进水碳源对生物除磷的重要作用。进水BOD₅/TN与生物除磷效能整体呈负相关关系,显示了生物除磷和脱氮过程之间的碳源竞争关系,但BOD₅/TN对生物除磷效能的负影响较小(箭头向量大小表征了影响程度的大小),进一步暗示了系统中反硝化除磷作用的存在。

除以上影响因素之外,对系统生物除磷效能和聚磷菌群影响最大的因素是工艺模式,图4显示了采用AAO工艺的污水厂普遍具有更高的聚磷菌*Candidatus Accumulibacter*和*Tetrasphaera*丰度以及更优的生物除磷效能,而采用MBR(AAOAMBR或AAOMBR)工艺的污水厂中聚磷菌丰度与生物除磷效能普遍较低,这与前文的结果一致;此外,采用倒置AAO工艺的G3也呈现出了较差的生物除磷效能。G污水厂的3条生产线进水水质、日处理量、操作人员等客观条件相同,活性污泥偶尔在生产线上调配,并非完全隔绝,但G1和G2采用AAO工艺。G3生产线中*Candidatus Accumulibacter*的平均相对丰度为0.28%,远低于G1和G2生产线,仅为G1的30.6%和G2的36.7%。G3生产线与G1、G2最显著的差异为硝化液回流点,G3硝化液直接回流至生化池前端,在该工艺布置条件下,由于硝酸盐对聚磷菌厌氧释磷的抑制作用,进水碳源被优先用于反硝化脱氮而非生物除磷;而与反硝化菌相比,聚磷菌具有更苛刻的碳源需求,其几乎只能利用VFAs等

易降解的小分子有机物,而这些碳源物质优先被反硝化菌消耗,这必然会对生物除磷作用不利。此外,彭永臻等^[12]的研究指出,亚硝酸盐对聚磷菌具有一定的毒害作用。考虑到硝化液回流会带来大量的硝酸盐(接近出水的总氮值),回流硝化液不利于聚磷菌的增殖,进而导致系统聚磷菌相对丰度减少、生物除磷效能下降,因此G3生产线的聚磷菌丰度远低于G1、G2。此外,采用倒置AAO工艺会降低系统中的反硝化除磷作用,对于碳源的节省及工艺整体药剂的削减不利。

大部分采用MBR工艺的污水厂(典型工艺构造为AAOAMBR)与G3生产线(倒置AAO工艺)有类似的硝化液回流点,采用了将混合液从缺氧Ⅱ段回流至厌氧前端的模式。但缺氧Ⅱ段混合液中硝酸盐较多,且分配的进水碳源较少,缺氧Ⅱ段出水中仍有大量的硝酸盐,高硝酸盐含量的混合液回流至厌氧段,势必不利于聚磷菌的增殖。

Barnard等^[8]研究指出,*Tetrasphaera*对厌氧环境要求较高,常存活于ORP<-200 mV的绝对厌氧环境,AAOAMBR或AAOMBR工艺的回流方式带来了大量的硝酸盐,破坏了厌氧池中的绝对厌氧环境,因此,采用上述工艺模式的MBR生产线基本检测不到*Tetrasphaera*。

在AAOAMBR工艺中,F2生产线较为独特,其聚磷菌丰度较高,*Candidatus Accumulibacter*的平均相对丰度为0.74%,甚至高于部分AAO污水厂。F2生产线采用厌氧/缺氧/好氧/缺氧/膜池的工艺模式,但其回流方式与UCT工艺类似,硝化液并非直接回流至厌氧池,而是由好氧池中段回流至缺氧池前段,再由缺氧池末段回流至厌氧池前段,回流至厌氧池的混合液经过缺氧段的反硝化后,DO和硝酸盐浓度均处于较低水平。这种运行模式避免了硝化液对厌氧环境的破坏,创造出了有利于聚磷菌生长的低ORP环境。

因此,采用AAOAMBR或AAOMBR工艺的污水厂,在确保脱氮效果的基础上,应尽量降低硝化液对厌氧环境的影响,以提高生物除磷效果。

3 结论与建议

污水厂中生化池的聚磷菌是影响除磷药剂消耗和运行成本的重要因素。对华南地区13座污水厂的24条生产线中的活性污泥菌群进行16S rRNA

基因扩增子高通量测序,发现 AAO 工艺及 MBR 工艺(AAOAMBR 或 AAOMBR)之间的聚磷菌丰度存在显著差异。对水质参数、运行条件、除磷效能、工艺模式及聚磷菌群结构进行 CCA 分析,结果显示,除进水碳磷比、厌氧池 HRT 外,硝化液的回流点位设置是影响聚磷菌丰度的重要因素,硝化液直接回流至厌氧段的生产线中聚磷菌丰度均偏低,最终导致采用 AAOAMBR 或 AAOMBR 工艺的污水厂除磷药耗更高。若要充分发挥生产线的生物除磷效果,应在确保脱氮效果的基础上,尽量减少回流至厌氧段的硝化液量,以创造有利于聚磷菌生存的环境。

此外,本研究揭示了华南地区 13 座污水厂的聚磷菌丰度情况,对聚磷菌群的持续监测,可以更深入地了解污水厂的运行状况,这些信息可为污水厂运行条件的优化提供重要的参考依据,有利于实现污水厂的提质增效。

参考文献:

- [1] FERNANDO E Y, MCILROY S J, NIERYCHLO M, *et al.* Resolving the individual contribution of key microbial populations to enhanced biological phosphorus removal with Raman-FISH [J]. The ISME Journal, 2019, 13 (8):1933-1946.
- [2] QIU G L, ZUNIGA-MONTANEZ R, LAW Y Y, *et al.* Polyphosphate-accumulating organisms in full-scale tropical wastewater treatment plants use diverse carbon sources [J]. Water Research, 2019, 149: 496-510.
- [3] 王亚超, 南亚萍, 袁林江, 等. A²/O 和 SBR 系统中微生物群落结构比较分析 [J]. 工业微生物, 2017, 47 (6): 25-30.
- WANG Yachao, NAN Yaping, YUAN Linjiang, *et al.* Comparative analysis of microbial population structure of A²/O and SBR system [J]. Industrial Microbiology, 2017, 47(6): 25-30 (in Chinese).
- [4] 郝晓地, 陈娇, 刘然彬. *Tetrasphaera* 聚磷菌研究进展及其除磷能力辨析 [J]. 环境科学学报, 2020, 40 (3): 741-753.
- HAO Xiaodi, CHEN Qiao, LIU Ranbin. Research advances of *Tetrasphaera* as polyphosphate accumulating organisms and analysis on their P-removal potential [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, 40(3): 741-753 (in Chinese).
- [5] LIU R B, HAO X D, CHEN Q, *et al.* Research advances of *Tetrasphaera* in enhanced biological phosphorus removal: a review [J]. Water Research, 2019, 166: 115003.
- [6] NAKAMURA K, HIRAISHI A, YOSHIMI Y, *et al.* *Microtholunatus phosphovorius* gen. nov., sp. nov., a new gram-positive polyphosphate-accumulating bacterium isolated from activated sludge [J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1995, 45(1): 17-22.
- [7] NIELSEN P H, MCILROY S J, ALBERTSEN M, *et al.* Re-evaluating the microbiology of the enhanced biological phosphorus removal process [J]. Current Opinion Biotechnology, 2019, 57: 111-118.
- [8] BARNARD J L, DUNLAP P, STEICHEN M. Rethinking the mechanisms of biological phosphorus removal [J]. Water Environment Research, 2017, 89 (11): 2043-2054.
- [9] SKENNERTON C T, BARR J J, SLATER F R, *et al.* Expanding our view of genomic diversity in *Candidatus Accumulibacter* clades [J]. Environmental Microbiology, 2015, 17(5): 1574-1585.
- [10] QIU G L, LAW Y Y, ZUNIGA-MONTANEZ R, *et al.* Global warming readiness: feasibility of enhanced biological phosphorus removal at 35 °C [J]. Water Research, 2022, 216: 118301.
- [11] SHEN N, CHEN Y, ZHOU Y. Multi-cycle operation of enhanced biological phosphorus removal (EBPR) with different carbon sources under high temperature [J]. Water Research, 2017, 114: 308-315.
- [12] 彭永臻, 郭春艳, 徐立杰, 等. 亚硝酸盐对聚磷菌厌氧代谢的影响 [J]. 北京工业大学学报, 2011, 37 (9): 1424-1429.
- PENG Yongzhen, GUO Chunyan, XU Lijie, *et al.* Effect of nitrite on anaerobic metabolism of *Candidatus Accumulibacter* phosphates [J]. Journal of Beijing University of Technology, 2011, 37 (9): 1424-1429 (in Chinese).

作者简介:孙伟(1971-),男,河北固安人,博士,高级工程师,主要从事市政污水处理、水环境治理等相关工作。

E-mail:7504721@qq.com

收稿日期:2022-07-01

修回日期:2022-07-21

(编辑:刘贵春)